```
RESULT 1
PCT-US01-32045-105
; Sequence 105, Application PC/TUS0132045
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Gish, Kurt C.
;  APPLICANT:  Mack, David H.
;  APPLICANT:  Wilson, Keith E.
;  APPLICANT:  Afar, Daniel
;  APPLICANT:  Hevezi, Peter
;  APPLICANT:  Eos Biotechnology, Inc.
;  TITLE OF INVENTION: Methods of Diagnosis of Prostate Cancer, Compositions
;  TITLE OF INVENTION:  and Methods of Screening for Modulators of Prostate
;  TITLE OF INVENTION:  Cancer
;  FILE REFERENCE: 018501-004200PC
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: PCT/US01/32045
;  CURRENT FILING DATE:  2002-08-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/687,576
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-13
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/733,288
;  PRIOR FILING DATE: 2000-12-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/733,742
;  PRIOR FILING DATE: 2000-12-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/263,957
;  PRIOR FILING DATE: 2001-01-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/276,791
;  PRIOR FILING DATE: 2001-03-16
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/276,888
;  PRIOR FILING DATE: 2001-03-16
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/281,922
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-06
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/286,214
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/847,046
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-30
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/288,589
;  PRIOR FILING DATE: 2001-05-04
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 296
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 105
;   LENGTH: 3810
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
PCT-US01-32045-105

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        3810
Score:                  5888.00        Matches:       1123
Percent Similarity:     100.0%         Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.0%         Mismatches:    0
Query Match:            99.6%          Indels:        0
DB:                     1              Gaps:          0

US-10-643-795A-123 (1-1127) x PCT-US01-32045-105 (1-3810)

Qy          5 ThrGluLysProThrAspAlaTyrGlyGluLeuAspPheThrGlyAlaGlyArgLysHis 24
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3 ACGGAGAAGCCCACCGATGCCTACGGAGAGCTGGACTTCACGGGGGCCGGCCGCAAGCAC 62

Qy         25 SerAsnPheLeuArgLeuSerAspArgThrAspProAlaAlaValTyrSerLeuValThr 44
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         63 AGCAATTTCCTCCGGCTCTCTGACCGAACGGATCCAGCTGCAGTTTATAGTCTGGTCACA 122

Qy         45 ArgThrTrpGlyPheArgAlaProAsnLeuValValSerValLeuGlyGlySerGlyGly 64
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        123 CGCACATGGGGCTTCCGTGCCCCGAACCTGGTGGTGTCAGTGCTGGGGGGATCGGGGGGC 182

Qy         65 ProValLeuGlnThrTrpLeuGlnAspLeuLeuArgArgGlyLeuValArgAlaAlaGln 84
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        183 CCCGTCCTCCAGACCTGGCTGCAGGACCTGCTGCGTCGTGGGCTGGTGCGGGCTGCCCAG 242

Qy         85 SerThrGlyAlaTrpIleValThrGlyGlyLeuHisThrGlyIleGlyArgHisValGly 104
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          243 AGCACAGGAGCCTGGATTGTCACTGGGGGTCTGCACACGGGCATCGGCCGGCATGTTGGT 302

Qy          105 ValAlaValArgAspHisGlnMetAlaSerThrGlyGlyThrLysValValAlaMetGly 124
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          303 GTGGCTGTACGGGACCATCAGATGGCCAGCACTGGGGGCACCAAGGTGGTGGCCATGGGT 362

Qy          125 ValAlaProTrpGlyValValArgAsnArgAspThrLeuIleAsnProLysGlySerPhe 144
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          363 GTGGCCCCCTGGGGTGTGGTCCGGAATAGAGACACCCTCATCAACCCCAAGGGCTCGTTC 422

Qy          145 ProAlaArgTyrArgTrpArgGlyAspProGluAspGlyValGlnPheProLeuAspTyr 164
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          423 CCTGCGAGGTACCGGTGGCGCGGTGACCCGGAGGACGGGGTCCAGTTTCCCCTGGACTAC 482

Qy          165 AsnTyrSerAlaPhePheLeuValAspAspGlyThrHisGlyCysLeuGlyGlyGluAsn 184
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          483 AACTACTCGGCCTTCTTCCTGGTGGACGACGGCACACACGGCTGCCTGGGGGGCGAGAAC 542

Qy          185 ArgPheArgLeuArgLeuGluSerTyrIleSerGlnGlnLysThrGlyValGlyGlyThr 204
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          543 CGCTTCCGCTTGCGCCTGGAGTCCTACATCTCACAGCAGAAGACGGGCGTGGGAGGGACT 602

Qy          205 GlyIleAspIleProValLeuLeuLeuLeuIleAspGlyAspGluLysMetLeuThrArg 224
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          603 GGAATTGACATCCCTGTCCTGCTCCTCCTGATTGATGGTGATGAGAAGATGTTGACGCGA 662

Qy          225 IleGluAsnAlaThrGlnAlaGlnLeuProCysLeuLeuValAlaGlySerGlyGlyAla 244
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          663 ATAGAGAACGCCACCCAGGCTCAGCTCCCATGTCTCCTCGTGGCTGGCTCAGGGGGAGCT 722

Qy          245 AlaAspCysLeuAlaGluThrLeuGluAspThrLeuAlaProGlySerGlyGlyAlaArg 264
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          723 GCGGACTGCCTGGCGGAGACCCTGGAAGACACTCTGGCCCCAGGGAGTGGGGGAGCCAGG 782

Qy          265 GlnGlyGluAlaArgAspArgIleArgArgPhePheProLysGlyAspLeuGluValLeu 284
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          783 CAAGGCGAAGCCCGAGATCGAATCAGGCGTTTCTTTCCCAAAGGGGACCTTGAGGTCCTG 842

Qy          285 GlnAlaGlnValGluArgIleMetThrArgLysGluLeuLeuThrValTyrSerSerGlu 304
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          843 CAGGCCCAGGTGGAGAGGATTATGACCCGGAAGGAGCTCCTGACAGTCTATTCTTCTGAG 902

Qy          305 AspGlySerGluGluPheGluThrIleValLeuLysAlaLeuValLysAlaCysGlySer 324
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          903 GATGGGTCTGAGGAATTCGAGACCATAGTTTTGAAGGCCCTTGTGAAGGCCTGTGGGAGC 962

Qy          325 SerGluAlaSerAlaTyrLeuAspGluLeuArgLeuAlaValAlaTrpAsnArgValAsp 344
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          963 TCGGAGGCCTCAGCCTACCTGGATGAGCTGCGTTTGGCTGTGGCTTGGAACCGCGTGGAC 1022

Qy          345 IleAlaGlnSerGluLeuPheArgGlyAspIleGlnTrpArgSerPheHisLeuGluAla 364
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1023 ATTGCCCAGAGTGAACTCTTTCGGGGGGACATCCAATGGCGGTCCTTCCATCTCGAAGCT 1082

Qy          365 SerLeuMetAspAlaLeuLeuAsnAspArgProGluPheValArgLeuLeuIleSerHis 384
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1083 TCCCTCATGGACGCCCTGCTGAATGACCGGCCTGAGTTCGTGCGCTTGCTCATTTCCCAC 1142

Qy          385 GlyLeuSerLeuGlyHisPheLeuThrProMetArgLeuAlaGlnLeuTyrSerAlaAla 404
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1143 GGCCTCAGCCTGGGCCACTTCCTGACCCCGATGCGCCTGGCCCAACTCTACAGCGCGGCG 1202

Qy          405 ProSerAsnSerLeuIleArgAsnLeuLeuAspGlnAlaSerHisSerAlaGlyThrLys 424
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1203 CCCTCCAACTCGCTCATCCGCAACCTTTTGGACCAGGCGTCCCACAGCGCAGGCACCAAA 1262

Qy          425 AlaProAlaLeuLysGlyGlyAlaAlaGluLeuArgProProAspValGlyHisValLeu 444
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1263 GCCCCAGCCCTAAAAGGGGGAGCTGCGGAGCTCCGGCCCCCTGACGTGGGGCATGTGCTG 1322
```

```
Qy        445 ArgMetLeuLeuGlyLysMetCysAlaProArgTyrProSerGlyGlyAlaTrpAspPro 464
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1323 AGGATGCTGCTGGGGAAGATGTGCGCGCCGAGGTACCCCTCCGGGGGCGCCTGGGACCCT 1382

Qy        465 HisProGlyGlnGlyPheGlyGluSerMetTyrLeuLeuSerAspLysAlaThrSerPro 484
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1383 CACCCAGGCCAGGGCTTCGGGGAGAGCATGTATCTGCTCTCGGACAAGGCCACCTCGCCG 1442

Qy        485 LeuSerLeuAspAlaGlyLeuGlyGlnAlaProTrpSerAspLeuLeuLeuTrpAlaLeu 504
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1443 CTCTCGCTGGATGCTGGCCTCGGGCAGGCCCCCTGGAGCGACCTGCTTCTTTGGGCACTG 1502

Qy        505 LeuLeuAsnArgAlaGlnMetAlaMetTyrPheTrpGluMetGlySerAsnAlaValSer 524
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1503 TTGCTGAACAGGGCACAGATGGCCATGTACTTCTGGGAGATGGGTTCCAATGCAGTTTCC 1562

Qy        525 SerAlaLeuGlyAlaCysLeuLeuLeuArgValMetAlaArgLeuGluProAspAlaGlu 544
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1563 TCAGCTCTTGGGGCCTGTTTGCTGCTCCGGGTGATGGCACGCCTGGAGCCTGACGCTGAG 1622

Qy        545 GluAlaAlaArgArgLysAspLeuAlaPheLysPheGluGlyMetGlyValAspLeuPhe 564
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1623 GAGGCAGCACGGAGGAAAGACCTGGCGTTCAAGTTTGAGGGGATGGGCGTTGACCTCTTT 1682

Qy        565 GlyGluCysTyrArgSerSerGluValArgAlaAlaArgLeuLeuLeuArgArgCysPro 584
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1683 GGCGAGTGCTATCGCAGCAGTGAGGTGAGGGCTGCCCGCCTCCTCCTCCGTCGCTGCCCG 1742

Qy        585 LeuTrpGlyAspAlaThrCysLeuGlnLeuAlaMetGlnAlaAspAlaArgAlaPhePhe 604
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1743 CTCTGGGGGGATGCCACTTGCCTCCAGCTGGCCATGCAAGCTGACGCCCGTGCCTTCTTT 1802

Qy        605 AlaGlnAspGlyValGlnSerLeuLeuThrGlnLysTrpTrpGlyAspMetAlaSerThr 624
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1803 GCCCAGGATGGGGTACAGTCTCTGCTGACACAGAAGTGGTGGGGAGATATGGCCAGCACT 1862

Qy        625 ThrProIleTrpAlaLeuValLeuAlaPhePheCysProProLeuIleTyrThrArgLeu 644
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1863 ACACCCATCTGGGCCCTGGTTCTCGCCTTCTTTTGCCCTCCACTCATCTACACCCGCCTC 1922

Qy        645 IleThrPheArgLysSerGluGluGluProThrArgGluGluLeuGluPheAspMetAsp 664
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1923 ATCACCTTCAGGAAATCAGAAGAGGAGCCCACACGGGAGGAGCTAGAGTTTGACATGGAT 1982

Qy        665 SerValIleAsnGlyGluGlyProValGlyThrAlaAspProAlaGluLysThrProLeu 684
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1983 AGTGTCATTAATGGGGAAGGGCCTGTCGGGACGGCGGACCCAGCCGAGAAGACGCCGCTG 2042

Qy        685 GlyValProArgGlnSerGlyArgProGlyCysCysGlyGlyArgCysGlyGlyArgArg 704
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2043 GGGGTCCCGCGCCAGTCGGGCCGTCCGGGTTGCTGCGGGGGCCGCTGCGGGGGGCGCCGG 2102

Qy        705 CysLeuArgArgTrpPheHisPheTrpGlyAlaProValThrIlePheMetGlyAsnVal 724
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2103 TGCCTACGCCGCTGGTTCCACTTCTGGGGCGCGCCGGTGACCATCTTCATGGGCAACGTG 2162

Qy        725 ValSerTyrLeuLeuPheLeuLeuLeuPheSerArgValLeuLeuValAspPheGlnPro 744
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2163 GTCAGCTACCTGCTGTTCTTGCTGCTTTTCTCGCGGGTGCTGCTCGTGGATTTCCAGCCG 2222

Qy        745 AlaProProGlySerLeuGluLeuLeuLeuTyrPheTrpAlaPheThrLeuLeuCysGlu 764
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2223 GCGCCGCCCGGCTCCCTGGAGCTGCTGCTCTATTTCTGGGCTTTCACGCTGCTGTGCGAG 2282

Qy        765 GluLeuArgGlnGlyLeuSerGlyGlyGlyGlySerLeuAlaSerGlyGlyProGlyPro 784
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2283 GAACTGCGCCAGGGCCTGAGCGGAGGCGGGGGCAGCCTCGCCAGCGGGGGCCCCGGGCCT 2342

Qy        785 GlyHisAlaSerLeuSerGlnArgLeuArgLeuTyrLeuAlaAspSerTrpAsnGlnCys 804
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2343 GGCCATGCCTCACTGAGCCAGCGCCTGCGCCTCTACCTCGCCGACAGCTGGAACCAGTGC 2402
```

```
Qy        805 AspLeuValAlaLeuThrCysPheLeuLeuGlyValGlyCysArgLeuThrProGlyLeu 824
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2403 GACCTAGTGGCTCTCACCTGCTTCCTCCTGGGCGTGGGCTGCCGGCTGACCCCGGGTTTG 2462

Qy        825 TyrHisLeuGlyArgThrValLeuCysIleAspPheMetValPheThrValArgLeuLeu 844
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2463 TACCACCTGGGCCGCACTGTCCTCTGCATCGACTTCATGGTTTTCACGGTGCGGCTGCTT 2522

Qy        845 HisIlePheThrValAsnLysGlnLeuGlyProLysIleValIleValSerLysMetMet 864
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2523 CACATCTTCACGGTCAACAAACAGCTGGGGCCCAAGATCGTCATCGTGAGCAAGATGATG 2582

Qy        865 LysAspValPhePhePheLeuPhePheLeuGlyValTrpLeuValAlaTyrGlyValAla 884
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2583 AAGGACGTGTTCTTCTTCCTCTTCTTCCTCGGCGTGTGGCTGGTAGCCTATGGCGTGGCC 2642

Qy        885 ThrGluGlyLeuLeuArgProArgAspSerAspPheProSerIleLeuArgArgValPhe 904
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2643 ACGGAGGGGCTCCTGAGGCCACGGGACAGTGACTTCCCAAGTATCCTGCGCCGCGTCTTC 2702

Qy        905 TyrArgProTyrLeuGlnIlePheGlyGlnIleProGlnGluAspMetAspValAlaLeu 924
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2703 TACCGTCCCTACCTGCAGATCTTCGGGCAGATTCCCCAGGAGGACATGGACGTGGCCCTC 2762

Qy        925 MetGluHisSerAsnCysSerSerGluProGlyPheTrpAlaHisProProGlyAlaGln 944
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2763 ATGGAGCACAGCAACTGCTCGTCGGAGCCCGGCTTCTGGGCACACCCTCCTGGGGCCCAG 2822

Qy        945 AlaGlyThrCysValSerGlnTyrAlaAsnTrpLeuValValLeuLeuLeuValIlePhe 964
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2823 GCGGGCACCTGCGTCTCCCAGTATGCCAACTGGCTGGTGGTGCTGCTCCTCGTCATCTTC 2882

Qy        965 LeuLeuValAlaAsnIleLeuLeuValAsnLeuLeuIleAlaMetPheSerTyrThrPhe 984
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2883 CTGCTCGTGGCCAACATCCTGCTGGTCAACTTGCTCATTGCCATGTTCAGTTACACATTC 2942

Qy        985 GlyLysValGlnGlyAsnSerAspLeuTyrTrpLysAlaGlnArgTyrArgLeuIleArg 1004
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2943 GGCAAAGTACAGGGCAACAGCGATCTCTACTGGAAGGCGCAGCGTTACCGCCTCATCCGG 3002

Qy       1005 GluPheHisSerArgProAlaLeuAlaProProPheIleValIleSerHisLeuArgLeu 1024
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3003 GAATTCCACTCTCGGCCCGCGCTGGCCCCGCCCTTTATCGTCATCTCCCACTTGCGCCTC 3062

Qy       1025 LeuLeuArgGlnLeuCysArgArgProArgSerProGlnProSerSerProAlaLeuGlu 1044
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3063 CTGCTCAGGCAATTGTGCAGGCGACCCCGGAGCCCCCAGCCGTCCTCCCCGGCCCTCGAG 3122

Qy       1045 HisPheArgValTyrLeuSerLysGluAlaGluArgLysLeuLeuThrTrpGluSerVal 1064
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3123 CATTTCCGGGTTTACCTTTCTAAGGAAGCCGAGCGGAAGCTGCTAACGTGGGAATCGGTG 3182

Qy       1065 HisLysGluAsnPheLeuLeuAlaArgAlaArgAspLysArgGluSerAspSerGluArg 1084
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3183 CATAAGGAGAACTTTCTGCTGGCACGCGCTAGGGACAAGCGGGAGAGCGACTCCGAGCGT 3242

Qy       1085 LeuGluArgThrSerGlnLysValAspLeuAlaLeuLysGlnLeuGlyHisIleArgGlu 1104
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3243 CTGGAGCGCACGTCCCAGAAGGTGGACTTGGCACTGAAACAGCTGGGACACATCCGCGAG 3302

Qy       1105 TyrGluGlnArgLeuLysValLeuGluArgGluValGlnGlnCysSerArgValLeuGly 1124
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3303 TACGAACAGCGCCTGAAAGTGCTGGAGCGGGAGGTCCAGCAGTGTAGCCGCGTCCTGGGG 3362

Qy       1125 TrpValThr 1127
              |||||||||
Db       3363 TGGGTGACG 3371
```

RESULT 2
US-09-976-858-105

```
; Sequence 105, Application US/09976858
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Gish, Kurt C.
;  APPLICANT:  Mack, David H.
;  APPLICANT:  Wilson, Keith E.
;  APPLICANT:  Afar, Daniel
;  APPLICANT:  Peter, Hevezi
;  TITLE OF INVENTION: Methods of Diagnosis of Prostate Cancer, Compositions and Methods
;  TITLE OF INVENTION:  of Screening for Modulators of Prostate Cancer
;  FILE REFERENCE: 05882.0183.NPUS00
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/976,858
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-12
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/276,791
;  PRIOR FILING DATE: 2001-03-16
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/288,589
;  PRIOR FILING DATE: 2001-05-04
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/276,888
;  PRIOR FILING DATE: 2001-03-16
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/286,214
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/281,922
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-06
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/263,957
;  PRIOR FILING DATE: 2001-01-24
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 294
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.2
; SEQ ID NO 105
;   LENGTH: 3810
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: human organism
US-09-976-858-105

Alignment Scores:
Pred. No.:              0             Length:        3810
Score:                  5888.00       Matches:       1123
Percent Similarity:     100.0%        Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.0%        Mismatches:    0
Query Match:            99.6%         Indels:        0
DB:                     37            Gaps:          0

US-10-643-795A-123 (1-1127) x US-09-976-858-105 (1-3810)

Qy          5 ThrGluLysProThrAspAlaTyrGlyGluLeuAspPheThrGlyAlaGlyArgLysHis 24
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3 ACGGAGAAGCCCACCGATGCCTACGGAGAGCTGGACTTCACGGGGGCCGGCCGCAAGCAC 62

Qy         25 SerAsnPheLeuArgLeuSerAspArgThrAspProAlaAlaValTyrSerLeuValThr 44
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         63 AGCAATTTCCTCCGGCTCTCTGACCGAACGGATCCAGCTGCAGTTTATAGTCTGGTCACA 122

Qy         45 ArgThrTrpGlyPheArgAlaProAsnLeuValValSerValLeuGlyGlySerGlyGly 64
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        123 CGCACATGGGGCTTCCGTGCCCCGAACCTGGTGGTGTCAGTGCTGGGGGGATCGGGGGGC 182

Qy         65 ProValLeuGlnThrTrpLeuGlnAspLeuLeuArgArgGlyLeuValArgAlaAlaGln 84
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        183 CCCGTCCTCCAGACCTGGCTGCAGGACCTGCTGCGTCGTGGGCTGGTGCGGGCTGCCCAG 242

Qy         85 SerThrGlyAlaTrpIleValThrGlyGlyLeuHisThrGlyIleGlyArgHisValGly 104
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        243 AGCACAGGAGCCTGGATTGTCACTGGGGGTCTGCACACGGGCATCGGCCGGCATGTTGGT 302

Qy        105 ValAlaValArgAspHisGlnMetAlaSerThrGlyGlyThrLysValValAlaMetGly 124
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        303 GTGGCTGTACGGGACCATCAGATGGCCAGCACTGGGGGCACCAAGGTGGTGGCCATGGGT 362

Qy        125 ValAlaProTrpGlyValValArgAsnArgAspThrLeuIleAsnProLysGlySerPhe 144
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        363 GTGGCCCCCTGGGGTGTGGTCCGGAATAGAGACACCCTCATCAACCCCAAGGGCTCGTTC 422

Qy        145 ProAlaArgTyrArgTrpArgGlyAspProGluAspGlyValGlnPheProLeuAspTyr 164
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          423 CCTGCGAGGTACCGGTGGCGCGGTGACCCGGAGGACGGGGTCCAGTTTCCCCTGGACTAC 482

Qy          165 AsnTyrSerAlaPhePheLeuValAspAspGlyThrHisGlyCysLeuGlyGlyGluAsn 184
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          483 AACTACTCGGCCTTCTTCCTGGTGGACGACGGCACACACGGCTGCCTGGGGGGCGAGAAC 542

Qy          185 ArgPheArgLeuArgLeuGluSerTyrIleSerGlnGlnLysThrGlyValGlyGlyThr 204
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          543 CGCTTCCGCTTGCGCCTGGAGTCCTACATCTCACAGCAGAAGACGGGCGTGGGAGGGACT 602

Qy          205 GlyIleAspIleProValLeuLeuLeuLeuIleAspGlyAspGluLysMetLeuThrArg 224
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          603 GGAATTGACATCCCTGTCCTGCTCCTCCTGATTGATGGTGATGAGAAGATGTTGACGCGA 662

Qy          225 IleGluAsnAlaThrGlnAlaGlnLeuProCysLeuLeuValAlaGlySerGlyGlyAla 244
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          663 ATAGAGAACGCCACCCAGGCTCAGCTCCCATGTCTCCTCGTGGCTGGCTCAGGGGGAGCT 722

Qy          245 AlaAspCysLeuAlaGluThrLeuGluAspThrLeuAlaProGlySerGlyGlyAlaArg 264
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          723 GCGGACTGCCTGGCGGAGACCCTGGAAGACACTCTGGCCCCAGGGAGTGGGGGAGCCAGG 782

Qy          265 GlnGlyGluAlaArgAspArgIleArgArgPhePheProLysGlyAspLeuGluValLeu 284
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          783 CAAGGCGAAGCCCGAGATCGAATCAGGCGTTTCTTTCCCAAAGGGGACCTTGAGGTCCTG 842

Qy          285 GlnAlaGlnValGluArgIleMetThrArgLysGluLeuLeuThrValTyrSerSerGlu 304
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          843 CAGGCCCAGGTGGAGAGGATTATGACCCGGAAGGAGCTCCTGACAGTCTATTCTTCTGAG 902

Qy          305 AspGlySerGluGluPheGluThrIleValLeuLysAlaLeuValLysAlaCysGlySer 324
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          903 GATGGGTCTGAGGAATTCGAGACCATAGTTTTGAAGGCCCTTGTGAAGGCCTGTGGGAGC 962

Qy          325 SerGluAlaSerAlaTyrLeuAspGluLeuArgLeuAlaValAlaTrpAsnArgValAsp 344
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          963 TCGGAGGCCTCAGCCTACCTGGATGAGCTGCGTTTGGCTGTGGCTTGGAACCGCGTGGAC 1022

Qy          345 IleAlaGlnSerGluLeuPheArgGlyAspIleGlnTrpArgSerPheHisLeuGluAla 364
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1023 ATTGCCCAGAGTGAACTCTTTCGGGGGGACATCCAATGGCGGTCCTTCCATCTCGAAGCT 1082

Qy          365 SerLeuMetAspAlaLeuLeuAsnAspArgProGluPheValArgLeuLeuIleSerHis 384
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1083 TCCCTCATGGACGCCCTGCTGAATGACCGGCCTGAGTTCGTGCGCTTGCTCATTTCCCAC 1142

Qy          385 GlyLeuSerLeuGlyHisPheLeuThrProMetArgLeuAlaGlnLeuTyrSerAlaAla 404
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1143 GGCCTCAGCCTGGGCCACTTCCTGACCCCGATGCGCCTGGCCCAACTCTACAGCGCGGCG 1202

Qy          405 ProSerAsnSerLeuIleArgAsnLeuLeuAspGlnAlaSerHisSerAlaGlyThrLys 424
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1203 CCCTCCAACTCGCTCATCCGCAACCTTTTGGACCAGGCGTCCCACAGCGCAGGCACCAAA 1262

Qy          425 AlaProAlaLeuLysGlyGlyAlaAlaGluLeuArgProProAspValGlyHisValLeu 444
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1263 GCCCCAGCCCTAAAAGGGGGAGCTGCGGAGCTCCGGCCCCCTGACGTGGGGCATGTGCTG 1322

Qy          445 ArgMetLeuLeuGlyLysMetCysAlaProArgTyrProSerGlyGlyAlaTrpAspPro 464
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1323 AGGATGCTGCTGGGGAAGATGTGCGCGCCGAGGTACCCCTCCGGGGGCGCCTGGGACCCT 1382

Qy          465 HisProGlyGlnGlyPheGlyGluSerMetTyrLeuLeuSerAspLysAlaThrSerPro 484
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1383 CACCCAGGCCAGGGCTTCGGGGAGAGCATGTATCTGCTCTCGGACAAGGCCACCTCGCCG 1442

Qy          485 LeuSerLeuAspAlaGlyLeuGlyGlnAlaProTrpSerAspLeuLeuLeuTrpAlaLeu 504
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1443 CTCTCGCTGGATGCTGGCCTCGGGCAGGCCCCCTGGAGCGACCTGCTTCTTTGGGCACTG 1502
```

```
Qy        505 LeuLeuAsnArgAlaGlnMetAlaMetTyrPheTrpGluMetGlySerAsnAlaValSer 524
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1503 TTGCTGAACAGGGCACAGATGGCCATGTACTTCTGGGAGATGGGTTCCAATGCAGTTTCC 1562

Qy        525 SerAlaLeuGlyAlaCysLeuLeuLeuArgValMetAlaArgLeuGluProAspAlaGlu 544
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1563 TCAGCTCTTGGGGCCTGTTTGCTGCTCCGGGTGATGGCACGCCTGGAGCCTGACGCTGAG 1622

Qy        545 GluAlaAlaArgArgLysAspLeuAlaPheLysPheGluGlyMetGlyValAspLeuPhe 564
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1623 GAGGCAGCACGGAGGAAAGACCTGGCGTTCAAGTTTGAGGGGATGGGCGTTGACCTCTTT 1682

Qy        565 GlyGluCysTyrArgSerSerGluValArgAlaAlaArgLeuLeuLeuArgArgCysPro 584
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1683 GGCGAGTGCTATCGCAGCAGTGAGGTGAGGGCTGCCCGCCTCCTCCTCCGTCGCTGCCCG 1742

Qy        585 LeuTrpGlyAspAlaThrCysLeuGlnLeuAlaMetGlnAlaAspAlaArgAlaPhePhe 604
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1743 CTCTGGGGGGATGCCACTTGCCTCCAGCTGGCCATGCAAGCTGACGCCCGTGCCTTCTTT 1802

Qy        605 AlaGlnAspGlyValGlnSerLeuLeuThrGlnLysTrpTrpGlyAspMetAlaSerThr 624
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1803 GCCCAGGATGGGGTACAGTCTCTGCTGACACAGAAGTGGTGGGGAGATATGGCCAGCACT 1862

Qy        625 ThrProIleTrpAlaLeuValLeuAlaPhePheCysProProLeuIleTyrThrArgLeu 644
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1863 ACACCCATCTGGGCCCTGGTTCTCGCCTTCTTTTGCCCTCCACTCATCTACACCCGCCTC 1922

Qy        645 IleThrPheArgLysSerGluGluGluProThrArgGluGluLeuGluPheAspMetAsp 664
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1923 ATCACCTTCAGGAAATCAGAAGAGGAGCCCACACGGGAGGAGCTAGAGTTTGACATGGAT 1982

Qy        665 SerValIleAsnGlyGluGlyProValGlyThrAlaAspProAlaGluLysThrProLeu 684
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1983 AGTGTCATTAATGGGGAAGGGCCTGTCGGGACGGCGGACCCAGCCGAGAAGACGCCGCTG 2042

Qy        685 GlyValProArgGlnSerGlyArgProGlyCysCysGlyGlyArgCysGlyGlyArgArg 704
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2043 GGGGTCCCGCGCCAGTCGGGCCGTCCGGGTTGCTGCGGGGGCCGCTGCGGGGGGCGCCGG 2102

Qy        705 CysLeuArgArgTrpPheHisPheTrpGlyAlaProValThrIlePheMetGlyAsnVal 724
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2103 TGCCTACGCCGCTGGTTCCACTTCTGGGGCGCGCCGGTGACCATCTTCATGGGCAACGTG 2162

Qy        725 ValSerTyrLeuLeuPheLeuLeuLeuPheSerArgValLeuLeuValAspPheGlnPro 744
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2163 GTCAGCTACCTGCTGTTCTTGCTGCTTTTCTCGCGGGTGCTGCTCGTGGATTTCCAGCCG 2222

Qy        745 AlaProProGlySerLeuGluLeuLeuLeuTyrPheTrpAlaPheThrLeuLeuCysGlu 764
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2223 GCGCCGCCCGGCTCCCTGGAGCTGCTGCTCTATTTCTGGGCTTTCACGCTGCTGTGCGAG 2282

Qy        765 GluLeuArgGlnGlyLeuSerGlyGlyGlyGlySerLeuAlaSerGlyGlyProGlyPro 784
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2283 GAACTGCGCCAGGGCCTGAGCGGAGGCGGGGGCAGCCTCGCCAGCGGGGGCCCCGGGCCT 2342

Qy        785 GlyHisAlaSerLeuSerGlnArgLeuArgLeuTyrLeuAlaAspSerTrpAsnGlnCys 804
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2343 GGCCATGCCTCACTGAGCCAGCGCCTGCGCCTCTACCTCGCCGACAGCTGGAACCAGTGC 2402

Qy        805 AspLeuValAlaLeuThrCysPheLeuLeuGlyValGlyCysArgLeuThrProGlyLeu 824
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2403 GACCTAGTGGCTCTCACCTGCTTCCTCCTGGGCGTGGGCTGCCGGCTGACCCCGGGTTTG 2462

Qy        825 TyrHisLeuGlyArgThrValLeuCysIleAspPheMetValPheThrValArgLeuLeu 844
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2463 TACCACCTGGGCCGCACTGTCCTCTGCATCGACTTCATGGTTTTCACGGTGCGGCTGCTT 2522

Qy        845 HisIlePheThrValAsnLysGlnLeuGlyProLysIleValIleValSerLysMetMet 864
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2523 CACATCTTCACGGTCAACAAACAGCTGGGGCCCAAGATCGTCATCGTGAGCAAGATGATG 2582
```

```
Qy        865 LysAspValPhePhePheLeuPhePheLeuGlyValTrpLeuValAlaTyrGlyValAla 884
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2583 AAGGACGTGTTCTTCTTCCTCTTCTTCCTCGGCGTGTGGCTGGTAGCCTATGGCGTGGCC 2642

Qy        885 ThrGluGlyLeuLeuArgProArgAspSerAspPheProSerIleLeuArgArgValPhe 904
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2643 ACGGAGGGGCTCCTGAGGCCACGGGACAGTGACTTCCCAAGTATCCTGCGCCGCGTCTTC 2702

Qy        905 TyrArgProTyrLeuGlnIlePheGlyGlnIleProGlnGluAspMetAspValAlaLeu 924
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2703 TACCGTCCCTACCTGCAGATCTTCGGGCAGATTCCCCAGGAGGACATGGACGTGGCCCTC 2762

Qy        925 MetGluHisSerAsnCysSerSerGluProGlyPheTrpAlaHisProProGlyAlaGln 944
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2763 ATGGAGCACAGCAACTGCTCGTCGGAGCCCGGCTTCTGGGCACACCCTCCTGGGGCCCAG 2822

Qy        945 AlaGlyThrCysValSerGlnTyrAlaAsnTrpLeuValValLeuLeuLeuValIlePhe 964
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2823 GCGGGCACCTGCGTCTCCCAGTATGCCAACTGGCTGGTGGTGCTGCTCCTCGTCATCTTC 2882

Qy        965 LeuLeuValAlaAsnIleLeuLeuValAsnLeuLeuIleAlaMetPheSerTyrThrPhe 984
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2883 CTGCTCGTGGCCAACATCCTGCTGGTCAACTTGCTCATTGCCATGTTCAGTTACACATTC 2942

Qy        985 GlyLysValGlnGlyAsnSerAspLeuTyrTrpLysAlaGlnArgTyrArgLeuIleArg 1004
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2943 GGCAAAGTACAGGGCAACAGCGATCTCTACTGGAAGGCGCAGCGTTACCGCCTCATCCGG 3002

Qy       1005 GluPheHisSerArgProAlaLeuAlaProProPheIleValIleSerHisLeuArgLeu 1024
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3003 GAATTCCACTCTCGGCCCGCGCTGGCCCCGCCCTTTATCGTCATCTCCCACTTGCGCCTC 3062

Qy       1025 LeuLeuArgGlnLeuCysArgArgProArgSerProGlnProSerSerProAlaLeuGlu 1044
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3063 CTGCTCAGGCAATTGTGCAGGCGACCCCGGAGCCCCCAGCCGTCCTCCCCGGCCCTCGAG 3122

Qy       1045 HisPheArgValTyrLeuSerLysGluAlaGluArgLysLeuLeuThrTrpGluSerVal 1064
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3123 CATTTCCGGGTTTACCTTTCTAAGGAAGCCGAGCGGAAGCTGCTAACGTGGGAATCGGTG 3182

Qy       1065 HisLysGluAsnPheLeuLeuAlaArgAlaArgAspLysArgGluSerAspSerGluArg 1084
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3183 CATAAGGAGAACTTTCTGCTGGCACGCGCTAGGGACAAGCGGGAGAGCGACTCCGAGCGT 3242

Qy       1085 LeuGluArgThrSerGlnLysValAspLeuAlaLeuLysGlnLeuGlyHisIleArgGlu 1104
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3243 CTGGAGCGCACGTCCCAGAAGGTGGACTTGGCACTGAAACAGCTGGGACACATCCGCGAG 3302

Qy       1105 TyrGluGlnArgLeuLysValLeuGluArgGluValGlnGlnCysSerArgValLeuGly 1124
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3303 TACGAACAGCGCCTGAAAGTGCTGGAGCGGGAGGTCCAGCAGTGTAGCCGCGTCCTGGGG 3362

Qy       1125 TrpValThr 1127
              |||||||||
Db       3363 TGGGTGACG 3371
```